

臺灣野生稻農藝生育性狀及親緣性分析

吳志文¹、盧虎生^{2*}

¹ 行政院農業委員會高雄區農業改良場

² 國立臺灣大學農藝學系

摘要

本研究之目的為探討臺灣野生稻之農藝生育性狀及遺傳的變異性。試驗所用臺灣野生稻材料，取自農試所現存活體保存之野生稻種原圃，在成功繁殖之48個品系中，由其外表型態可區分為三種不同株型，其中第Ⅰ種株型佔了39個品系為最多，第Ⅱ、第Ⅲ種則各為5及4個品系。第Ⅰ及第Ⅲ種株型較相近，分蘖散開、相對於地面夾角角度較小，外表型態最明顯的不同在於葉鞘的顏色，第Ⅰ種株型之葉鞘呈紫棕色，第Ⅲ種株型之葉鞘則與葉片相同，皆屬淡綠色；第Ⅱ種則分蘖簇集、相對於地面夾角角度較大，與一般栽培種較相近。臺灣野生稻皆較一般栽培種(臺農67號101天，臺中在來1號100天)晚抽穗，其抽穗日期介於插秧後121~139天，平均為132天。三種臺灣野生稻型態在株高、分蘖數與葉數等農藝生育性狀之表現，以第Ⅲ型之生長勢較大。穗數、稈實率、每穗粒數及穀粒重等四個產量性狀之表現，以稈實率的變異程度最大，其餘依次為每穗粒數、穗數與穀粒重。以臺大農藝系建立之水稻品種DNA指紋分析技術，利用OSR4等10個SSR引子對，分析48個臺灣野生稻品系、9個臺灣栽培種及7個自IRRI引進的野生稻，總共獲得38個多型性條帶，每個引子對皆能擴增出清晰的多型性條

帶，擴增出的多型性條帶數介於2~6條之間，平均為3.8條，分子量介於100~400bp之間。根據多型性條帶出現的結果，進行分群分析，可明顯區分出6群，其中高雄139號及越光各成一群；栽培種臺秈2號、臺中秈10號、臺中在來1號及W49A (*Oryza rufipogon*)成一群；W25、W16A (*Oryza punctata*)及W30A (*Oryza punctata*)為一群；W4A (*Oryza latifolia*)、W11A、W22A及W37A (*Oryza officinalis*)成一群；其餘包括臺農67號、臺梗5號、臺梗9號、高雄145號及其他臺灣野生稻自成一類。由本試驗結果顯示，臺灣野生稻乃一異質性相當高的族群，族群中出現類似稈型稻的個體，係族群後裔分離的現象，亦或因天然雜交、稈型基因流入的現象，則有待進一步的証實。

關鍵詞：臺灣野生稻、農藝性狀、分類。

Agronomic Traits and Polymorphism Analysis of Taiwan Wild Rice

Chih-Wen Wu¹ and Huu-Sheng Lur^{2*}

¹ Kaohsiung District Agricultural Research and Extension Station, Pingtung Hsien 90846, Taiwan ROC

² Department of Agronomy, National Taiwan University, Taipei 10617, Taiwan ROC

ABSTRACT

The objectives of this study were to investigate variations of agronomic traits, developmental progress, and genotype makeup in Taiwan wild rice. Experimental materials were collected from germplasm nursery of Taiwan Agricultural Research Institute. All of the 48 tested survival lines could be divided into three

* 通信作者, lurhs@ntu.edu.tw

投稿日期：2006年5月20日

接受日期：2006年6月6日

作物、環境與生物資訊 4:215-226 (2007)

Crop, Environment & Bioinformatics 4:215-226 (2007)

189 Chung-Cheng Rd., Wufeng, Taichung Hsien 41301, Taiwan ROC

different plant types by phenotypic traits. Type I was similar to Type III except the color of leaf sheath. Type I had purple brown sheath and Type III showed pale green sheath, and they had a smaller angle between tillers and ground. The phenotype of Type II was similar to that of cultivated varieties and angle between tillers and ground was near 90 degree. The color of leaf and leaf sheath of type II lines was green. The heading day of Taiwan wild rice was longer than that of cultivated varieties. Average days from transplanting to heading was 132. Among the three types, Type III had the larger growth vigor in the traits of plant height, tiller number per plant, and leaf number of main stem. The variation of spikelet fertility was the largest among the components of yield. A total of 10 DNA simple sequence repeat (SSR) primer pairs were selected to detect genotype polymorphisms among 48 Taiwan wild rice lines, 9 cultivated varieties, and 7 wild rice accession lines from IRRI. Ten SSR primers amplified a total of 38 polymorphic bands. The average number of alleles per SSR locus was 3.8 with a range from 2 to 6. UPGMA cluster analysis proposed that the 64 rice materials could be divided into 6 groups. Although almost all of Taiwan wild rice lines were clustered into the same group, considerable DNA polymorphism was found among these lines. The present results revealed that Taiwan wild rice may be a high heterogenous population with respect to agronomic traits and genetic background. This population also showed some Japonica-like traits, suggesting introgression might occur during long period of coexistence with other cultivars.

Key words: Taiwan wild rice, Agronomic trait, Classification

前言

世界上現存最早的稻穀，於1974年在中國的浙江省餘姚縣河姆渡出土，據鑑定應屬距今7000多年前的新石器時代(Hu 2003)，而經各國專家的研究結果，緘認野生稻應在9,000多年前即已出現。毫無疑問地，目前所有的作物栽培種都是由野生種馴化而來，水稻亦不例外。臺灣的野生稻最早於1929年9

月，由時任新竹州農事試驗場之島田彌市及小野柳一在竹南郡頭分庄(中大埔石頭埤仔)附近的池塘中發現，隨後至9月下旬也陸續在桃園郡八塊庄(八德市)附近的池塘中發現同樣的野生稻(Hara 1942)。因此，臺灣野生稻早期應分布於現今的桃園至新竹縣間的池塘邊，其學名為*Oryza rufipogon* Griff. (Chang 1976)。早期對於臺灣野生稻的專門研究不多，幾乎是附屬於與其他地區之野生稻研究報告。中興大學前客座教授岡彥一及張文財博士於1957年前後調查八德野生稻，當時還有3個分散族群存活。中央研究院植物研究所前客座研究員江永智博士報告指出，八德野生稻族群從1976年開始衰退(Kiang *et al.* 1979)，至1980年前後在原發現地消失(Tsai 1999, Oka 1991)。然而，臺灣野生稻在原發現地雖已很難發現原生族群，但有幸的是農委會農業試驗所國家作物種原中心的種原圃中仍有活株保存，得以據以從事各項基礎研究。早期研究族群的起源或遺傳行為，常藉由外表性狀的觀察與測量，例如以植株型態、米粒形狀、葉片顏色、抽穗期與穗型(Bao *et al.* 2005)等，並經各項統計分析後，作為遺傳距離遠近的判斷依據，但這些農藝性狀常受環境因素的影響，且有周期較長的缺點(Bao *et al.* 2005, Shi *et al.* 2005)。DNA分子標誌技術的出現與發展，為研究遺傳變異者提供了新的方法。由於DNA標誌具有不受環境條件和植物不同發育階段的影響，且因不具有表型效應和上位性作用等優點，加上近年來生物技術的進步，相繼發展出各種可用且精確的分子標誌，提供學者從事各項研究的利器。

前人對臺灣野生稻的研究多侷限於外表性狀、繁殖方式的觀察與他種野生稻的比較等，雖也有學者藉由酯化同位酵素的遺傳分析，得知臺灣野生稻具有高度的多型態遺傳基因座，然而皆因樣本數過小，尚無法完整地描述臺灣野生稻的族群特性。本研究之目的在於探討臺灣野生稻族群的生育特性、農藝性狀表現及遺傳親緣性，以作為將來保

存、利用及各項研究之參考。

材料與方法

一、臺灣野生稻農藝性狀調查

由行政院農委會農業試驗所種原中心種原圃逢機挖取約 55 株分生幼苗，取回屏東後將每一單株為一編號成為品系，編號方式為 W1, W2, W3.....，將秧苗移植於栽培盆中，最後成功繁殖 48 個品系。將 W1 等 48 個品系併同栽培種臺農 67 號(TNG67)及臺中在來 1 號(TN1)為對照品種同時育苗，於 95 年 4 月 30 日移植於栽培盆中，至當年 9 月 6 日依外表型態進行歸類，在生育期間調查株高、分蘗數、葉數、抽穗期等農藝性狀，收穫後調查每穗穗數、稔實率、每穗粒數及穀粒重等產量相關性狀調查。

二、臺灣野生稻親緣性分析

1. 供試材料

以臺灣野生稻 W1 等 48 個品系，加上臺農 67 號(TNG67)、臺梗 5 號(TK5)、臺梗 9 號(TK9)、高雄 139 號(KH139)、高雄 145 號(KH145)、越光(KHK)、臺秈 2 號(TS2)、臺中秈 10 號(TCS10)等 9 個栽培種及農業試驗所由國外引進之 W4A (*Oryza latifolia*, Costa Rica)、W11A (*Oryza officinalis*, India)、W16A (*Oryza punctata*, India)、W22A (*Oryza officinalis*, Philippines)、W30A (*Oryza punctata*, Tanania)、W37A (*Oryza officinalis*, Thailand)、W49A(*Oryza rufipogon*, Thailand)等 7 個不同遺傳背景野生稻，總計 64 個品種(系)為材料進行 DNA 指紋分析。

2. 米粒 DNA 的萃取方法

以修飾過的 CTAB (hexadecyltrimethylammonium bromide)法(Doyle *et al.* 1990)萃取水稻染色體DNA。將參試品種(系)7粒白米或糙米置於研鉢中，加入液態氮磨粉後，加450 μ L CTAB buffer靜置回溫再倒入2 mL eppendorf，另取350 μ L CTAB

buffer清洗研鉢後亦倒入原eppendorf，置於65°C中20分鐘。每一eppendorf 加入10 μ L proteinase K並搖晃均勻，置於65°C水浴中反應30分鐘(每10分鐘搖晃均勻一次)，隨後加入800 μ L 的 phenol/chloroform/isoamyl alcohol (25:24:1)充份混合以使蛋白質變性，經14,000 g離心10分鐘，取其上清液置入另一離心管，加入400 μ L的chloroform/isoamyl alcohol (24:1)進行DNA再萃取，以14,000 g離心5分鐘取其上清液。將所得上清液加入等量的isopropanol靜置於室溫下20分鐘進行DNA脫水，離心(14,000 g) 10分鐘後以70%酒精再脫水一次，隨後離心數秒，將沉澱物置於40°C下30分鐘獲得球狀沉澱物(pellet)。加入200 μ L的TE buffer (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH= 8.0)後於40°C下1小時使 pellet完全溶解，再加入10 μ L的RNase (500 μ g ml⁻¹)混合均勻後置於37°C水浴中反應1小時以降解RNA，加入兩倍體積(約450 μ L)的95%EtOH於溶液中，置於-20°C冰箱中30分鐘以上使DNA沉澱，經14,000 g離心10分鐘後，將管中液體倒掉並置於37°C下風乾得到 pellet (DNA)，隨後加入100 μ L的TE buffer充分將DNA溶解，即為製備完成之樣品材料DNA，此樣品原料DNA稀釋50倍後進行聚合酶連鎖反應(PCR)分析。

3. 聚合酶連鎖反應 (Polymerase Chain Reaction, PCR)

本試驗使用由臺灣大學農藝系張孟基博士提供之OSR4、RM206、RM218、RM249、RM257、RM335、RM3501、RM3912、RM5755、RM1387等共10個SSR核酸引子，這些引子序列已知分別位於第7條、第11條、第3條、第5條、第9條、第4條、第2條、第9條、第3條及第1條染色體上，且在水稻遺傳分析中可能產生較多之多型性。PCR反應總體積12 μ L，內含1 μ L參試樣品DNA、3 μ L核酸引子、1 μ L dNTP及0.05 μ L之Taq DNA polymerase。PCR反應條件為起始94°C 5分鐘；再以94°C 30

秒、50°C 37秒、72°C 30秒，循環35次；最後在於72°C 5分鐘，反應終了以後收起保存於4°C冰箱中，以供後續電泳分析用。

4. PCR 擴增產物電泳分析

將上述反應完成之PCR擴增產物，使用加入4 μ L EtBr製作完成的3% Metaphor agarose gel (Cambrex Bio science Rockland Inc., USA)進行電泳分析。所有參試材料先加入1 μ L 6X dye混合均勻後依序裝載(loading)於膠片，並取2 μ L 500 bps marker作為對照，裝載完成後以110 V進行電泳，完成電泳後之膠片置於UV下觀察條帶多型性，拍照存檔以供分析。

5. 分群聚分析(Cluster analysis)

參試材料DNA加入不同引子的擴增產物經電泳分離後，紀錄產生多型性條帶的結果，有擴增條帶者紀錄為1，無條帶出現則紀錄為0，並以每一參試品種(系)為運算分類的單位，樣品間的遺傳距離採用Jaccard's coefficient of community (Jaccard 1908)方法估算，並據以使用非加權平均數UPGMA (Unweight Pair-group Method using Arithmetic Averages)進行分群分析(cluster)，同時繪出樹狀分枝圖。

結果與討論

一、農藝性狀

由臺灣野生稻的外表型態調查結果(Fig. 1、Table 1)，此批臺灣野生稻族群可明顯區分成三種不同株型。第1型(wild type I)以W38為代表，品系數最多達39個，佔供試的臺灣野生稻族群(48個品系)的81.3%，其外表特徵為莖稈呈紫紅色，莖稈與地面角度小，幾成匍匐性，葉片顏色為草綠色且細長下垂；第3型(wild type III)以W28為代表，此一類型僅有4個品系，佔臺灣野生稻族群(48個品系)的8.3%，其特徵為莖稈呈草綠色，幾與葉片顏色相同，莖稈與地面角度亦

小，惟比第1型略大，葉片亦比第1型稍寬，然同屬下垂型；第2型(wild type II)以W24為代表，此類型共有5個品系，佔臺灣野生稻族群(48個品系)的10.4%，其特徵為莖稈及葉色皆呈草綠色，莖稈與地面間角度大，幾乎成90度直角，葉寬為三型中最寬者，葉片直立但脆弱易折，其型態接近現代栽培稻。

臺灣野生稻於1929年9月由新竹州農事試驗場長島田彌市及小野卯一在時為新竹州竹南郡頭分庄附近首度發現(Hara 1942)，同年同月下旬小野氏復於桃園郡八塊庄之灌溉水塘中發現同樣外形之野生稻，並進行初步的調查，其外表性狀莖稈為赤紫色，葉細長呈淡綠色，分蘖成斜伏狀向四方散開；地下莖發達，可由倒伏莖高節位發根發芽再生(Oka 1992)。由其描述情形，原始發現之臺灣野生稻與本試驗中的第1型相符，第3型雖大致相符，但莖稈顏色已產生質的改變，至於第2型則可能因天然雜交，受栽培種基因流入之影響，在外表型態產生較大的改變。

植物外表型態，即外表特性之表現，一直是學者研究種原變異的一個重要依據(Bhargava *et al.* 1966)，也是傳統育種家據以判別遺傳變異與選拔的標準之一，故創造變異、培育變異族群及保存種原即為育種家主要工作。前人有關臺灣野生稻的研究報告皆未說明其族群外觀的變異性。本研究結果顯示，在種原園中所保存的活體植株在外表型態已有所改變，如何保存原有型態之臺灣野生稻族群，避免因天然雜交所導致的基因流失，似乎是一個重要的課題。

二、農藝性狀之生育變化

W1~W54等48個臺灣野生稻品系及臺農67號與臺中在來1號同時於95年4月30日移植於栽培盆中，每盆種植一株，在生育期間調查各項農藝生育性狀。經調查三種株型野生稻與栽培稻(臺農67號與臺中在來1號)之株高、分蘖數及葉數之生育特性如Fig. 2所示。

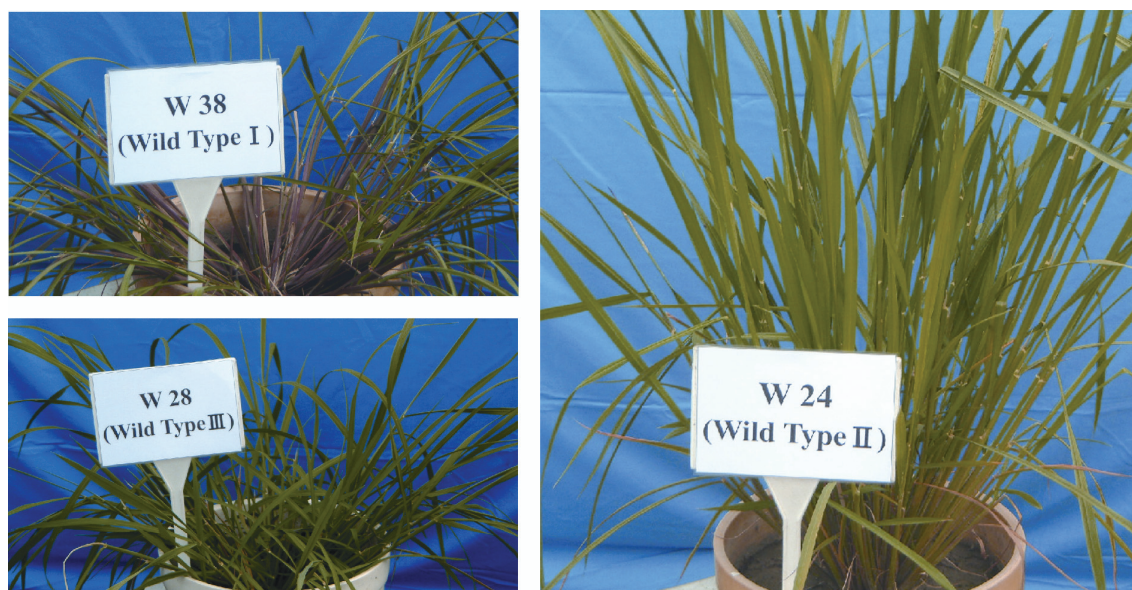


Fig. 1. Plant types of Taiwan wild rice population.

Table 1. Distribution of plant type of Taiwan wild rice population.

Plant type	Phenotype	Lines	Number
I	The plant has green, narrow and flagging leaf blade, mauve-red leaf sheath, and stoloniferous tiller.	W1,W2,W3,W6,W7,W8,W9,W10,W11, W12,W13,W14,W15,W16,W19,W20,W21, W23,W25,W27,W29,W33,W34,W35,W36, W37,W38,W39,W40,W43,W44,W45,W46, W47,W48,W49,W50,W51,W54	39
II	The color of leaf blade and sheath is green. The angle between stem and ground tend towards right. The plant is possessed of wider, erect and easy to be broken leaf blade.	W4,W22,W24,W26,W41	5
III	The plant has green, wider and flagging leaf blade and stoloniferous tiller. It has green leaf sheath.	W5,W28,W30,W31	4

在生育初期(23~60天)三種野生稻株型之株高皆比兩種栽培稻生長快速。至生育後期第1型(120.0公分)及第3型(128.5公分)仍較臺農67號(102公分)及臺中在來1號(95.5公分)高，而第2型(97公分)之株高則與兩栽培品種相近；初期(移植後至第53天)臺灣野生稻之分蘖數明顯高於臺農67號與臺中在來1號，至第53天臺灣野生稻與兩栽培稻相近(13~17支)；葉數調查結果，第3型在生育期間葉數皆比其他兩

型及兩種栽培稻多。

在抽穗期方面，臺灣野生稻中最早抽穗者為W4及W6兩個品系，在移植後121天進入始穗期，然仍比臺農67號(101天)及臺中在來1號(100天)晚了3星期；最晚抽穗者則為W31及W33兩個品系，皆於移植過後139天才開始抽穗。臺灣野生稻族群之平均抽穗日期為132.3天、抽穗日期的變異係數(CV)為3.437% (Fig. 3)。

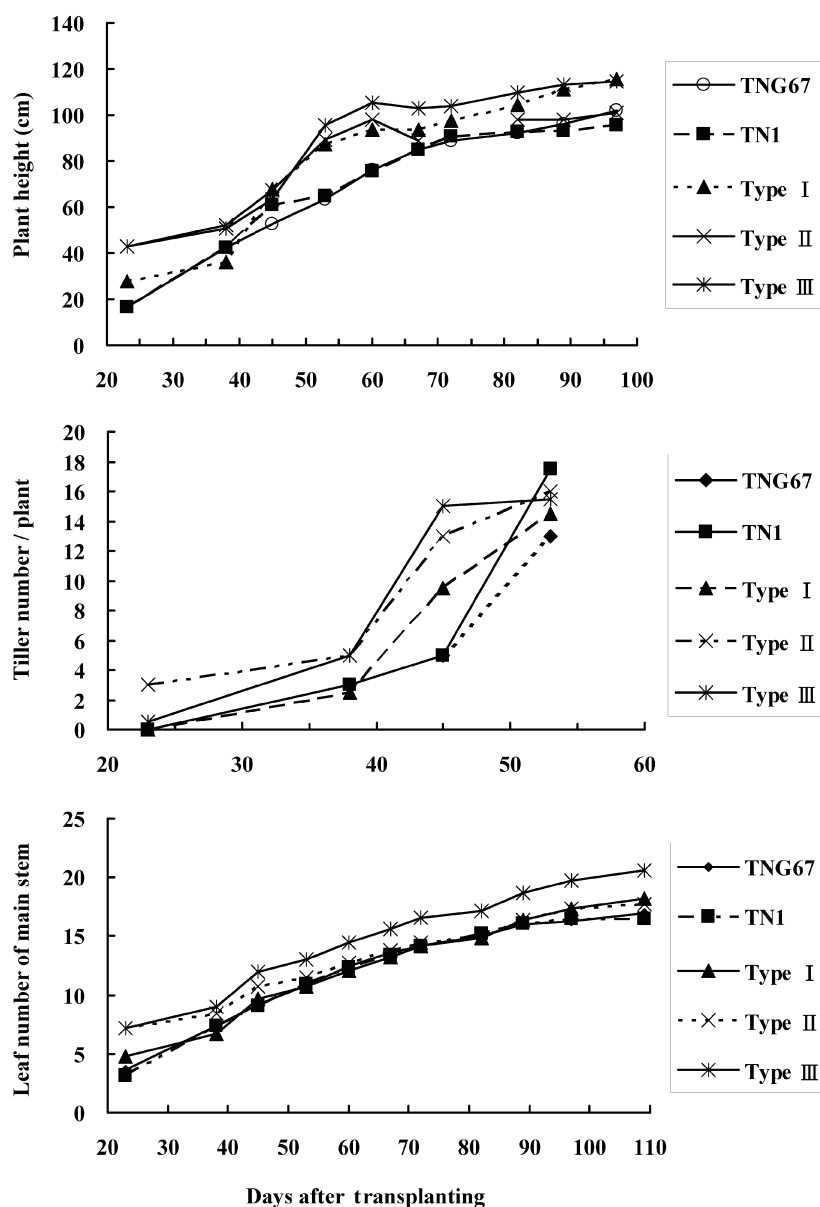


Fig. 2. Development of vegetative characteristics of Taiwan wild rice after transplanting.

至於每櫟穗數、稔實率、每穗粒數及粒重等產量構成因素之表現(Fig. 4), 除W30 (15支)與W31 (17支)外, 臺灣野生稻其餘各品系的每櫟穗數皆高於臺農67號(18支)及臺中在來1號(14支), 野生稻族群平均穗數為29.1支, 變異係數為22.71%, 穗數最多者為W21及W35兩個品系, 每櫟穗數皆為42支; 臺農

67號之稔實率為75.0%、臺中在來1號為63.0%, 兩品種之稔實率皆遠高於臺灣野生稻族群, 野生稻族群最高之稔實率為W15的43.7%, 最低僅為7.5% (W13), 族群稔實率平均為21.9%, 變異係數為38.21%; 每穗粒數之情形與稔實率類似, 臺農67號每穗粒數為92.0粒、臺中在來1號為76.0粒, 而臺灣野生稻最

多為W4的48.6粒，最少者為W13僅10粒，族群平均為22.1粒，變異係數為32.16%；臺農67號及臺中在來1號每粒穀重分別為22.6及26.8 mg，臺灣野生稻穀粒最重者是W24的22.2 mg，最輕的是W51的10.7 mg，族群平均為13.9 mg，變異係數是16.3%。

由以上結果，臺灣野生稻初期生長勢皆高於兩個栽培稻，可能是為適應環境的變遷而逐漸演化所造成的結果；野生稻族群產量構成因素之特性除穗數外，其餘性狀皆低於栽培種，此即為野生稻族群之產量遠低於栽培種的最大原因，其中株型近似栽培種的W24，雖然每穗穗數及穀粒重與栽培種相近，但稈實率與每穗粒數則遠低於栽培種。四種產量構成因素之變異程度中，族群內以穀粒重(CV= 16.3%)之變異程度最小，其次為每穗穗數(CV= 22.71%)。

Sato *et al.* (1988)研究指出，控制抽穗的基因位於第 10 條染色體的 *Ef-1* 基因座上；Tsai (1995)將臺灣及其他不同國家(馬來西亞及緬甸)的野生稻，於一期作時種在臺中觀察其抽穗情形，發現來自於臺灣及馬來西亞的野生稻對光週期非常敏感，且這些野生稻品

系具有位於 *Ef-1* 基因座上的類似等位基因；Hara (1942)調查臺灣原生野生稻族群，株高為 143 公分，每株平均 19.8 穗。Oka (1956)調查所得臺灣野生稻有 30.7%自然雜交率，且由自然野生族群之後代也發現類似稈型植株，故推論臺灣野生稻族群在遺傳上，其本質是異質的(heterogenous)；Kiang and Wu (1979)以臺灣野生稻與栽培稻進行酯化同位酵素的遺傳分析，指出臺灣野生稻具有高度的多型性遺傳基因座，平均有 22%的異質結合子。本試驗中調查臺灣野生稻的各項農藝特性與前人調查之結果略有出入，惟觀察族群的各項農藝性狀之表現，可看出臺灣野生稻是一個雜異度相當高的族群，且有類似栽培稈型植株型態(type II)，此與上述學者的研究結果相符合。在高雄改良場繁殖、試驗進行過程中之觀察所得(未發表)，臺灣野生稻在屏東市種植，一年中於 5 月中及 9 月中會有兩次的開花抽穗，此則與 Tsai 的研究結果不同，是否因屏東地區日照較充足，可達到開花抽穗所需的度積溫累積，值得進一步的深入研究。

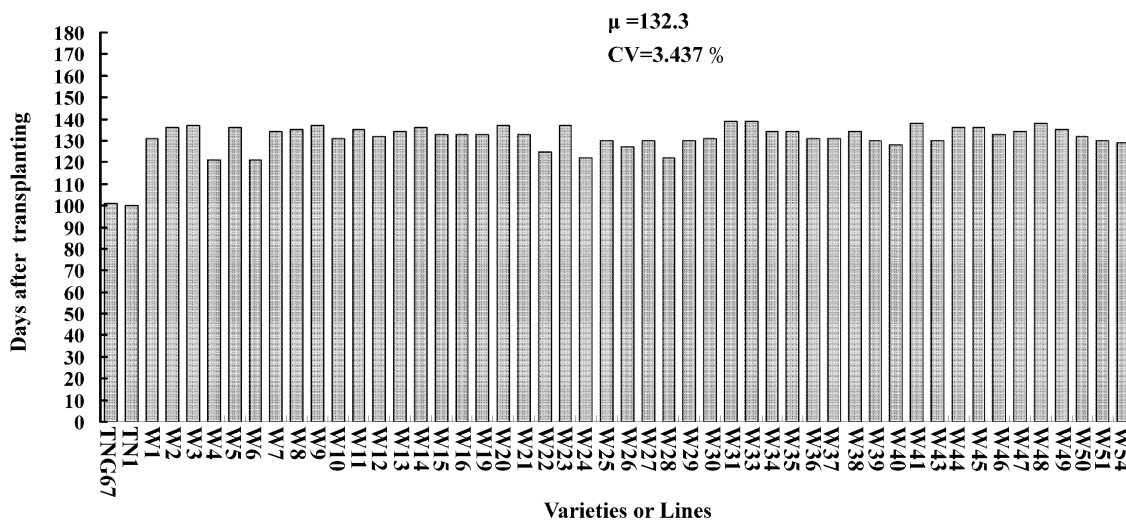


Fig. 3. Variation of heading days of Taiwan wild rice population.

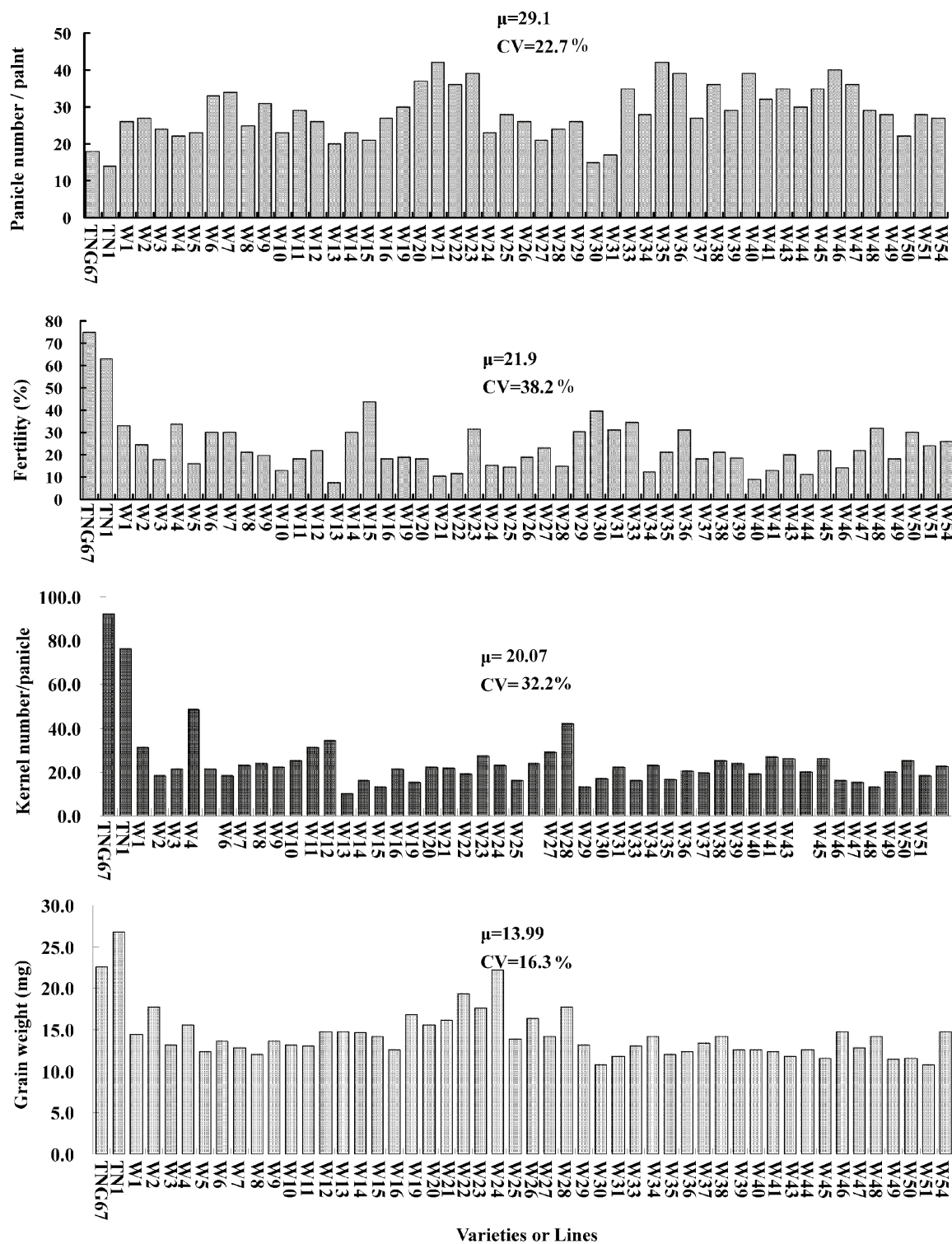


Fig. 4. Variations of yield components of Taiwan wild rice population.

三、臺灣野生稻親緣性分析

以 OSR4、RM206、RM218、RM249、RM257、RM335、RM1387、RM3501、RM3912 及 RM5755 等 10 引子針對臺農 67 號等 9 個栽培種與 55 個野生稻品系之 DNA 進行 PCR

擴增後所得產物，經電泳後總共出現 38 個多型性條帶，條帶分子量在 100~400 bp 之間，不同引子擴增出的條帶數介於 2~6 條，平均為 3.8 條。Fig. 5 呈現出以 RM1387 分析 64 個品種(系)所產生之 DNA 條帶多型性。由於篇幅限制，本報告僅代表性呈列 RM1387 之

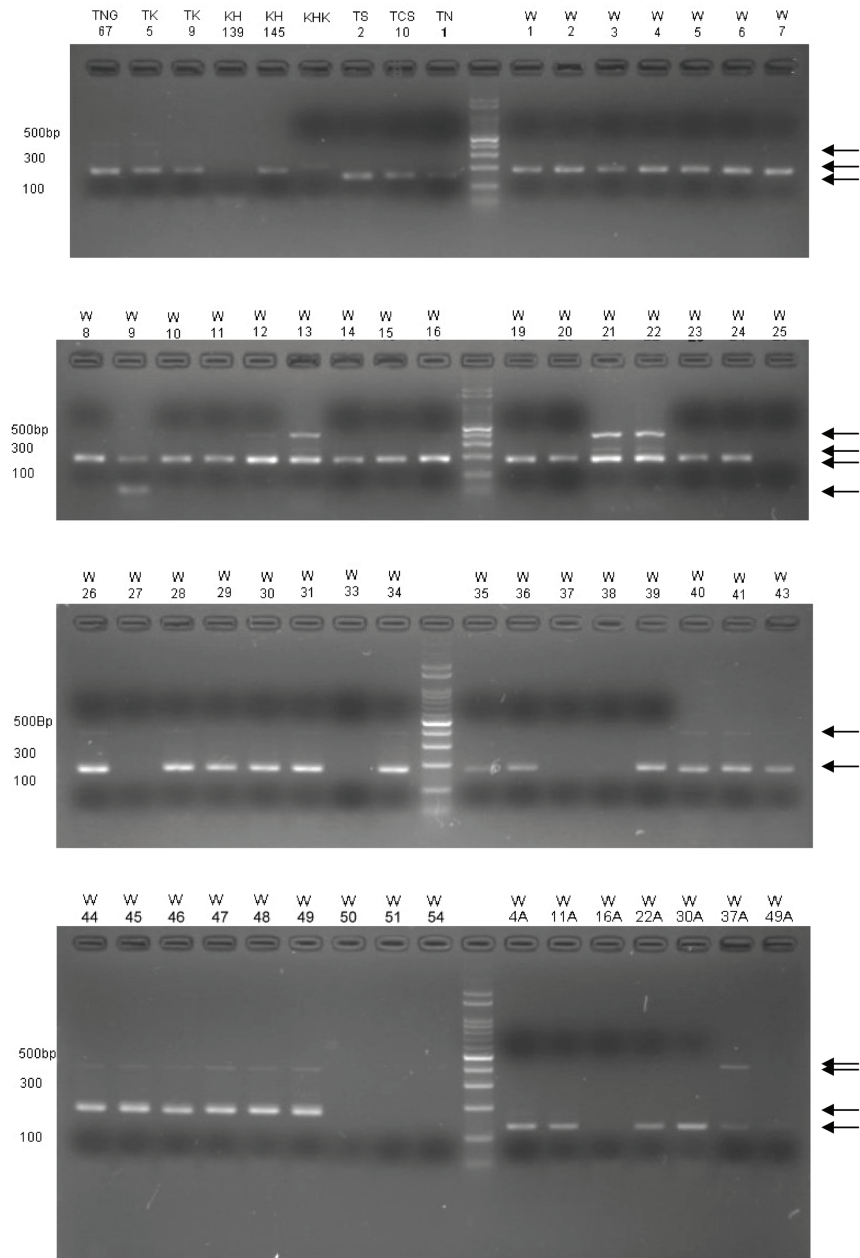


Fig. 5. Amplified results of RM1387 for 9 cultivated varieties and 55 wild rice lines. Arrow indicates the RM1387-amplified band with polymorphism was scored for agarose gel.

电泳結果。由 SSR 擴增產物產生條帶的有無，紀錄成 1 與 0 的數列矩陣，再依 Jaccard 之定義計算族群間的遺傳距離，並以 SAS 的 PROC CLUSTER 進行分群分析畫出樹狀圖 (Fig. 6)。結果所得平均遺傳距離為 0.265，最小遺傳距離為 0，最大遺傳距離為 0.894。以平均遺傳距離 0.667 為截線劃分樹狀圖，可明顯區分出 6 群，其中高雄 139 號(KH139)及越光(KHK)各成一群；栽培種臺秈 2 號 (TS2)、臺中秈 10 號 (TCS10)、臺中在來 1 號 (TN1) 及 W49A (*Oryza rufipogon*)成一群；W25、W16A (*Oryza punctata*) 及 W30A (*Oryza punctata*)為一群；W4A (*Oryza latifolia*)、W11A、W22A 及 W37A (*Oryza officinalis*)成一群；其餘包括臺農 67 號(TNG67)、臺梗 5 號(TK5)、臺梗 9 號(TK9)、高雄 145 號(KH145)及其他臺灣野生稻自成一類。據 Oka *et al.*對臺灣野生稻的研究，稱其為 *Oryza rufipogon* (Chang 1976)，由分群分析結果可知，除 W25 與外來野生稻 *Oryza punctata* 歸在同一群外，臺灣野生稻大致上與近代的梗稻栽培種較為接近，且可發現族群內具相當顯著之遺傳變異。

水稻 SSR 標誌不僅多型性高、方法簡單，而且數量豐富、分佈均勻，最近的水稻分子連鎖圖譜已包含 2414 個 SSR 標誌 (McCouch *et al.* 2002)。利用不同水稻材料之間高度的遺傳多型性，可以有效地進行品種分類鑑定 (Fan *et al.* 2000, Zhu *et al.* 2001, Zheng *et al.* 2004)、純度鑑定 (Su *et al.* 2003, Peng *et al.* 2003) 以及親本遺傳差異評估 (Duan *et al.* 2002, Wang 2004, Wang *et al.* 2005) 等方面之研究，因此應用分子標誌技術可以從 DNA 層面精確地評估種原的遺傳背景 (Li 2004)，且 DNA 標誌具有不受環境條件和植物發育階段的影響、不具外表型效應和上位性作用等優點。本試驗中臺灣野生稻利用 SSR 分子標誌條帶進行分群分析，結果顯示大部分的品系 (W25 除外) 與現代梗稻品種如臺農 67 號、臺梗 5 號、臺梗 9 號及高雄 145

號親緣關係較近，與一般秈稻品種 (臺中秈 10 號、臺秈 2 號、臺中在來 1 號、W49A) 等之遺傳距離為 0.6823，此表示同屬於 *Oryza rufipogon* 的臺灣野生稻族群與泰國的野生稻 (W49A) 在遺傳上有相當大的差異。對照本試驗中農藝特性之調查結果，可知臺灣野生稻為一異質性族群，而野生稻出現類似梗型個體 (W4, W22, W24, W26, W41)，且與其他臺灣野生稻位於同一分群，顯示親緣關係相近，也與 Oka (1956) 提出類似梗秈兩型在後裔的分離說相吻合。然而，從另一方觀點推估以臺灣野生稻授粉行為而言，幾可歸類為常異交作物 (Oka 1956, Oka and Morishima 1967)，臺灣野生稻族群是否已因長期與栽培稻共存，經由天然雜交導致梗型基因流入，因而有梗型出現，則有待進一步證實。

Kiang and Wu (1979) 以酯化同功酵素進行臺灣野生稻遺傳分析，得知臺灣野生稻具有高度的多形態遺傳基因座，以及 22.2% 的異型結合子 (King and Wu 1979)；本研究以 OSR4 等 10 個經評估可產生較多多型性條帶的 SSR 引子，經 DNA 指紋分析結果，產生高達 38 條多型性條帶，更有足夠的證據證明臺灣野生稻族群是一個雜異度非常高的族群；此一保存如此大的遺傳變異族群，有進一步評估作為水稻品種改良的價值。亞洲地區的野生稻大都具有無性繁殖的地下莖 (Oka and Morishima 1967)，Kiang *et al.* (1979) 指出，臺灣野生稻已很難在原棲息地發現；Stebbins (1958) 提出生存於穩定棲息地的植物物種，通常是多年生、異花授粉，而生於不穩定棲息地，則通常是自花授粉。藉由高天然雜交率與營養繁殖方式可保持族群的多型性基因座與異質性 (Kiang and Wu 1979)，臺灣野生稻之生育習性介於一年生與多年生之間，其高天然雜交率雖能增加遺傳變異，但若放任長期發展，臺灣野生稻原有之遺傳資源有可能真正滅絕，為能完整保留的遺傳變異，除了積極進行臺灣野生稻復育外，設置種原隔離圃、利用野生稻發達的地

下莖進行無性繁殖，方能確保族群之遺傳組成不因外來基因流入而污染。然而，至少需維持多大的族群，方能維持臺灣野生稻的遺傳變異，有待吾人進一步的確認。

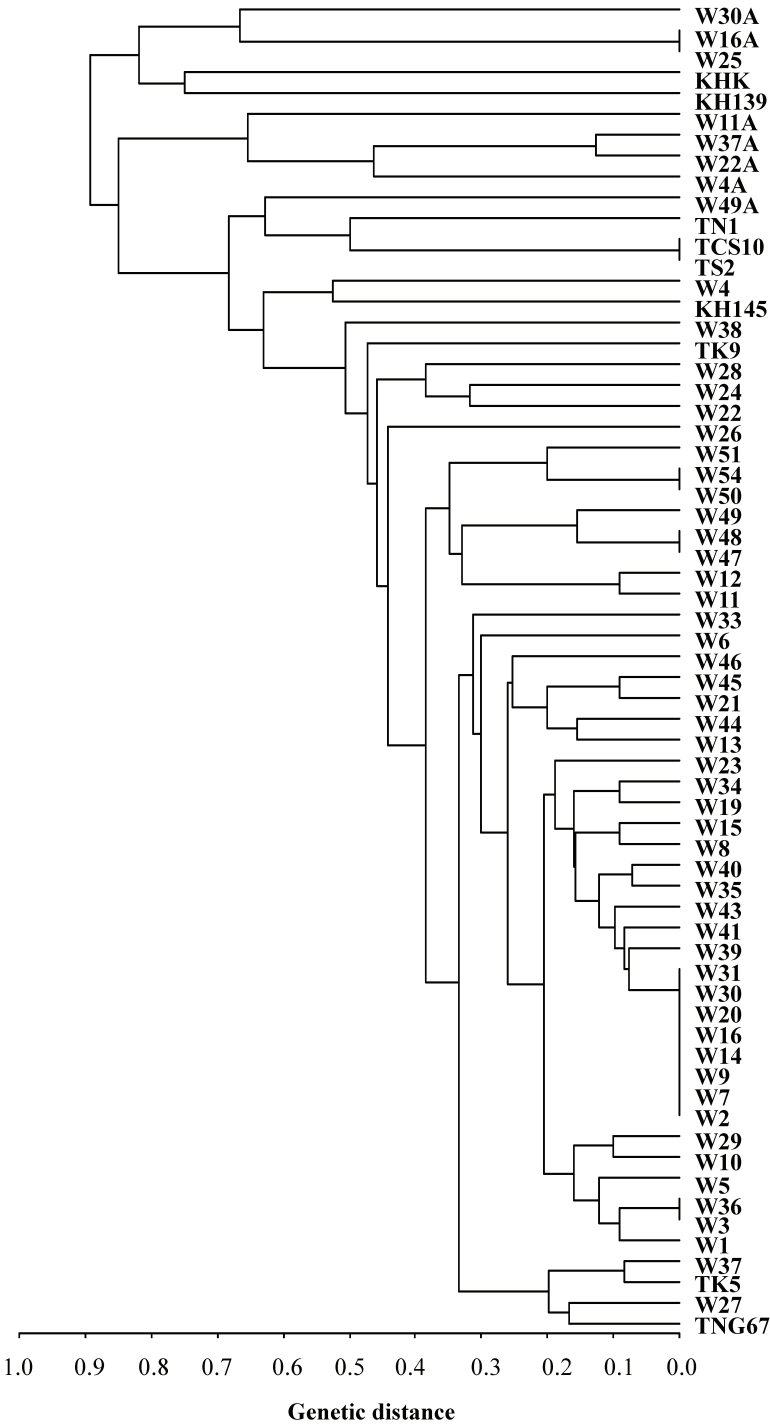


Fig. 6. Dendrogram of the 64 materials by UPGMA cluster analysis.

引用文獻

- Bao GL, K Asako, T Katsura, QS Jin, XM Zhang, WC Yan, SH Ye (2005) Polymorphism analysis of closely related japonica rice varieties by using SSR markers. **Chinese J. Rice Sci.** 19:21-24.
- Bhargava PD, JN Johri, SK Sharma, BN Bhatt (1966) Morphological and genetic variability in green gram. **Indian J. Genet. Plant Breed.** 26 : 370-373.
- Chang TT (1976) The origin, evolution, cultivation, dissemination, and diversification of Asian and African rice. **Euphytica** 25:425-441.
- Doyle JJ, JL Doyle (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus** 12: 13-15.
- Duan SH, JN Mao, YG Zhu (2002) Genetic variation of main restorer lines of hybrid rice in China was revealed by microsatellite markers. **Acta genetica Sinica** 29:250-254.
- Fan YY, JY Zhuang, JL Wu, BL Sun, KL Zheng (2000) SLP-based identification of subspecies in rice (*Oryza sativa* L.). **Hereditas** 22:392-394.
- Hara SR (1942) Trials heredity of Formosan wild rice. **Plant Animal** 10:321-325.
- Hu CH (2003) The past, the present and prospective of mankind - Beginnings of Agriculture, Cultural Development and Eco-Ethics. Morning Star Publishing Inc., Taiwan.
- Jaccard P (1908) Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bull. Soc. Vaud. Sci. Natl.** 44:223-270.
- Kiang YT, J Antonovics, L Wu (1979) The extinction of wild rice (*Oryza perennis formosana*) in Taiwan. **J. Asian Ecol.** 1:1-9.
- Kiang YT, L Wu (1979) Genetic studies of esterase on the Taiwan wild rice and cultivated rice. **Bot. Bull. Acad. Sinica** 20:103-116.
- Li YF, BG Zhong, ZL Yang, HF Luo, GH He (2004) Polymorphism analysis of SSR marker among American rice and Chinese rice. **Mol. Plant Breed.** 2:801-806.
- Oka HI (1956) Observations on natural populations of Formosan wild rice. Ann. Rep. Natl. Inst. Genetics, Japan 6:46-47.
- Oka HI (1991) Ecology of wild rice planted in Taiwan: I. Sequential distribution of species and their interactions in weed communities. **Bot. Bull. Acad. Sinica** 32:287-293.
- Oka HI (1992) Ecology of wild rice planted in Taiwan: II. Comparoson of two populations with different genotypes. **Bot. Bull. Acad. Sinica** 33:75-84.
- Oka HI, H Morishima (1967) Variations in the breeding systems of a wild rice, *Oryza perennis*. **Evolution** 21:249-258.
- Peng ST, JY Zhuang, QC Yan, KL Zheng (2003) SSR markers selection and purity detection of major hybrid rice combinations and their parents in China. **Chinese J. Rice Sci.** 17:1-5.
- Sato S, I Sakamoto, K Shirakawa, S Nakasone (1988) Chromosomal location of an earliness gene *Ef-1* of rice. **Jpn. J. Breed.** 38:385-396.
- Shi YF, JZ Ying, L Wang, ZW Zhu, JY Zhuang (2005) Screening SSR markers for rice variety identification. **Chinese J. Rice Sci.** 19:195-201.
- Stebbins GL (1958) Longevity, habitat, and release of genetic variability in the higher plants. **Cold Spr. Harbor Symp.** 23:365-378
- Su SZ, YB Huang, JP Yang, ZF Ding, SB Gao (2003) The study on testing the seeds purity of hybrid rice by SSR. **Seed** 1:23-25.
- Tsai KH (1995) Genic analysis for heading time in wild rice strains. **Jpn. J. Genet.** 70:555-562.
- Tsai KH (1999) Wild rice plants of Taiwan. **PGR Newslet. ROC** 4:6-7.
- Wang JH, WY Luo, JW Chen, YF Liu, QH Wu, XF Li (2005) Genetic diversity in cultivated fragrance rice varieties revealed by SSR and ISSR markers. **Mol. Plant Breed.** 3:37-42.
- Wang ZA (2004) Analysis on the polymorphism among the parents of two-line hybrid rice by microsatellite markers. **Hybrid Rice** 19:59-61.
- Zheng JS, LB Chen, WY Fu, YZ Li (2004) Genetic diversity of different wild rice genomes revealed by SSR markers. **Molecular Plant Breed.** 2:25-33.
- Zhu ZF, CQ Sun, ZC Li, XK Wang (2001) Study on the classification of rice varieties with SSR molecular markers. **J. Agri. Biotech.** 958-61.